

EXHIBIT C

Search for

ExPASy Proteomics Server

[Databases](#) [Tools](#) [Services](#) [Mirrors](#) [About](#) [Contact](#)You are here: [ExPASy CH](#) > [Tools](#) > [Primary structure analysis](#) > [Compute pI/Mw](#)

Compute pI/Mw

Theoretical pI/Mw (average) for the user-entered sequence:

10 20 30 40 50 60
YFPFPAKED FLGCLVKEIP PRLLYAKSSP AYPSVLGQTI RNSRWSSPDN VKPIYIVTPT
70 80 90 100 110 120
NASHIQSAVV CGRRHGVRI RSGGHDYEG LSYRSLQPEE FAVVDLSKMR AVWVDGKART
130 140 150 160 170 180
AWVDSGAQLG ELYYAIHKAS TVLAFPAGVC PTIGVGGNEA GGGFGMLLRK YGIAAENVID
190 200 210 220 230 240
VKLVDANGTL HDKKSMDGDH FWAVRGGGGE SFGIVVAWKV RLLPVPEPTV VFKIPKKASE
250 260 270 280 290 300
GAVDIINRWQ VVAPQLPDDL MIRVIAQGPT ATFEAMYLGT CQTLTPMMSS KFPPELGMNAS
310 320 330 340 350 360
HCNEMSWIQS IPFVHLGHRD NIEDDLLNRN NTFKPFAEYK SDYVYEPFVK RVWEQIFSTW
370 380 390 400 410 420
LLKPGAGIMI FDPYGATISA TPEWATPEPH RKGVLNFIQY VNYWFAPGAG AAPLSWSKEI
430 440 450 460 470 480
YNYMEPYVSK NPRQAYANYR DIDLGRNEVV NDVSTFSSGL VWGQKYFKGN FQRLAITKGK
490 500
VDPTDYFRNE QSIPPLIKKY

Theoretical pI/Mw: 9.05 / 55765.91

[Swiss Institute of Bioinformatics](#) | [Disclaimer](#) | [Sitemap](#) | [Documentation](#) | [Contact Us](#)SEQ ID NO: 2

Search for

ExPASy Proteomics Server

[Databases](#) [Tools](#) [Services](#) [Mirrors](#) [About](#) [Contact](#)You are here: [ExPASy CH](#) > [Tools](#) > [Primary structure analysis](#) > [Compute pI/Mw](#)

Compute pI/Mw

Theoretical pI/Mw (average) for the user-entered sequence:

10 20 30 40 50 60
YFPPPAAKED FLGCLVKEIF PRLLYAKSSP AYPSVLGQTI RNSRWSSPDN VKPIYIVTPT
70 80 90 100 110 120
NASHIQSAVV CGRRHGVRIK VRSGGHDYEG LSYRSLQPEE FAVVDLSKMR AVWVDGKART
130 140 150 160 170 180
AWVDSGAQLG ELYYAIHKAS PVLAFAPAGVC PTIGVGGNFA GGGFGMLLRK YGIAAENVID
190 200 210 220 230 240
VKLVDANGTL HDKKSMDGDH FWA VRGGGE SFGIVVAVKV RLLPVPPTVT VFKIPKKASE
250 260 270 280 290 300
GAVDIINRWQ VVAPQLPDDL MIRVIAQGPT ATFEAMYLGT CQTLTPMMSS KFPPELGMNAS
310 320 330 340 350 360
HCNEMSWIQS IPFVHLGHRD NIEDDLLNRN NTEKPFAYEK SDYVYEPFVK EVWEQIFSTW
370 380 390 400 410 420
LLKPGAGIMI FDPYGATISA TPEWATPFPK RKGVLFIQY VNYWEAPGAG AAPLSWSKEI
430 440 450 460 470 480
YNYMEPYVSK NPRQAYANYR DIDLGRNEV NDVSTFSSGL VWGQKYFKGN FORLAITKCK
490 500
VDPTDYFRNE QSIPLIKKY

Theoretical pI/Mw: 8.89 / 55734.85

SEQ ID NO: 4[Swiss Institute of Bioinformatics](#) | [Disclaimer](#) | [Sitemap](#) | [Documentation](#) | [Contact Us](#)

Search for

ExPASy Proteomics Server

[Databases](#) [Tools](#) [Services](#) [Mirrors](#) [About](#) [Contact](#)You are here: [ExPASy CH](#) > [Tools](#) > [Primary structure analysis](#) > [Compute pI/Mw](#)

Compute pI/Mw

Theoretical pI/Mw (average) for the user-entered sequence:

10	20	30	40	50	60
YFPPPAAKED	FLGCLVKEIP	PRLLYAKSSP	AYPSVLGQTI	RNSRWSSPDN	VKPLYIITPT
70	80	90	100	110	120
NVSHIQSAVV	CGRRHVSRIK	VRSGGHDIYEG	LSYRSLQPET	FAVVDLNKMR	AVWVDGKART
130	140	150	160	170	180
AWVDSGAQLG	ELYYAIYKAS	PTLAFPAGVC	PTIGVGGNFA	GGGFGMLLRK	YGIAAENVID
190	200	210	220	230	240
VKLVDANGKL	HDKKSMGDDH	FWAVRGGGGE	SFGIVVAWQV	KLLPVPTPTV	IFKISKTIVSE
250	260	270	280	290	300
GAVDIINKWQ	VVAPQLPADL	MIRIIAQGPK	ATFEAMYLGT	CKTLTPIMSS	KFPELGMNPS
310	320	330	340	350	360
HCNEMSWIQS	IPFVHLGHRD	ALEDDLLNRN	NSFKPFAEYK	SDYVYQFFPK	TVWEQILNTW
370	380	390	400	410	420
LVKPGAGIMI	FDPYGATISA	TPESATPFPK	RKGVLFNIQY	VNYWFAPGAA	AAPLSWSKDI
430	440	450	460	470	480
YNYMEPYVSK	NPRQAYANYR	DIDLGRNEVV	NDVSTYASGK	VWGQKYFKGN	FERLAITKGG
490	500				
VDPTDYFRNE	QSIPPLIKKY				

Theoretical pI/Mw: 9.19 / 55624.88SEQ ID NO: 6[Swiss Institute of Bioinformatics](#) | [Disclaimer](#) | [Sitemap](#) | [Documentation](#) | [Contact Us](#)